

Identificação de microssatélites em ESTs de cacau associados à interação cacau-*Moniliophthora perniciosa*

Lima, LS^{1,3}; Gramacho, KP¹; Gaiotto, FA²; Lopes, UV¹; Pires, JL¹; Gesteira, AS³; Cascardo, JCM³; Lima, L¹; Micheli, FFL^{3,4}

¹CEPLAC/CEPEC, Laboratório de Fitopatologia Molecular, Itabuna-BA; ²UESC, DCB, Laboratório de Citogenética e Marcadores Moleculares, Ilhéus-BA;

³UESC, DCB, Laboratório de Genômica e Expressão Gênica, Ilhéus-BA; ⁴CIRAD, UMR DAP, Montpellier, França
livinhalima@yahoo.com.br

Palavras-chave: *Theobroma cacao*, *Moniliophthora perniciosa*, SSR, ESTs

A vassoura-de-bruxa causada pelo fungo *Moniliophthora perniciosa* é a doença de maior impacto na cacaucultura no Brasil. Sua principal forma de controle é a utilização de clones resistentes, porém é preciso aumentar a base genética nos plantios comerciais para que se tenha uma resistência mais duradoura. A identificação de genes expressos tem sido usada como uma importante abordagem experimental na seleção de novos genes de resistência, e a busca de polimorfismos pode ser uma ótima alternativa para contribuir com a seleção de cacaueiros duravelmente resistentes à vassoura-de-bruxa. O objetivo deste trabalho foi identificar microssatélites (SSR) a partir de bibliotecas de ESTs da interação cacau-*Moniliophthora perniciosa*, confeccionadas em trabalhos anteriores (GESTEIRA et al., 2004; GESTEIRA et al., 2007; ZAIDAN et al., 2005). Para a identificação dos SSRs foram utilizadas 680 seqüências de genes de TSH 1188 (material resistente), e cinco seqüências de genes do Catongo (material suscetível), obtendo-se 125 SSRs. Destes, 6,4% correspondem a SSRs com um tamanho maior ou igual a 18 pb. Foram utilizados 32 pares de *primers* para amplificação em 21 genótipos de cacaueiro com diferentes níveis de resistência e dois *bulks* referentes a genótipos suscetíveis e resistentes a vassoura-de-bruxa, que permitiu a obtenção de quatro locos polimórficos envolvidos em transdução de sinais e em função ainda desconhecida e 16 alelos para resistência do cacaueiro à vassoura-de-bruxa, com uma média de diversidade genética esperada (H_e) entre os locos polimórficos de 0,4462. Os resultados mostraram uma separação entre os genótipos suscetíveis e resistentes, e uma separação entre os genótipos resistentes, necessitando porém de estudos mais aprofundados neste sentido. Os resultados foram muito satisfatórios, levando-se em conta que foi possível obter quatro locos polimórficos mesmo com um número baixo de repetições oriundos dos genes expressos, e também pelo fato de que o mapeamento de SSR derivados desses ESTs permitem a localização de marcas muito mais próximas dos genes de resistência no mapa genético por se tratar de seqüências expressas.

Apoio financeiro: FAPESB, CNPq, CAPES, MAE.